

**Figure 1 : Alignment of the BASB110 polynucleotide sequences.****Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

	*	20	*	
Seqid1 :	ATGACTGTGACGATAGCAATCAATTCACAA			30
Seqid3 :	.....			30

	40	*	60	
Seqid1 :	AATCAAAAACCCATCAAGCGATTGGGCTTG			60
Seqid3 :	.....			60

	*	80	*	
Seqid1 :	ATTTTGGTGTGATCACCACTTGCATTTG			90
Seqid3 :	.....			90

	100	*	120	
Seqid1 :	GCAGGATGTGCCAGTAAGCCAACCTATAAT			120
Seqid3 :	.....			120

	*	140	*	
Seqid1 :	AGTACCTCAGGTCGGGCAGTCATCGTACT			150
Seqid3 :	.....			150

	160	*	180	
Seqid1 :	TCAGGTTCAGGTGGTTGGCAATAGGTTCA			180
Seqid3 :	.....			180

\* 200 \*

Seqid1 : CAGGTTATCACGGACAGTCAGGGCGTACCA : 210  
Seqid3 : ..... : 210

220 \* 240

Seqid1 : AATCGCTATCAGGTGAAGCAGGGCGATACT : 240  
Seqid3 : ..... : 240

\* 260 \*

Seqid1 : GTCAGTAAGATTGCTCAGCGTTATGGATTAA : 270  
Seqid3 : ..... : 270

280 \* 300

Seqid1 : AATTGGCGTGAGATTGGACACATTAATAAT : 300  
Seqid3 : ..... : 300

\* 320 \*

Seqid1 : CTAAATAGCAGTTATACGATTATACAGGT : 330  
Seqid3 : .....G..... : 330

340 \* 360

Seqid1 : CAATGGCTGACTTTATGGTCAGGTGATCTC : 360  
Seqid3 : ..... : 360

\* 380 \*

Seqid1 : AAGGTGCGTGAGCGTAGTATCAGCTCTGGT : 390  
Seqid3 : ..... : 390

400 \* 420  
Seqid1 : GTGAATAACAGCTCACACACACCTCGCCTGTG : 420  
Seqid3 : ..... : 420

\* 440 \*  
Seqid1 : GCGGTTCAAGTCAAGCAGACCACAGTACAG : 450  
Seqid3 : ..... : 450

460 \* 480  
Seqid1 : CAGCATCCTGCCGTACAAAAACCCACGCCA : 480  
Seqid3 : ..... : 480

\* 500 \*  
Seqid1 : CCTGTTGTTGTGGTAAAAAAACCCACACCG : 510  
Seqid3 : ..... : 510

520 \* 540  
Seqid1 : ACTCCGCCTGTGGTTCAGCAGCCAGCACCA : 540  
Seqid3 : ..... : 540

\* 560 \*  
Seqid1 : GTTGCCCCACCAAGTGACAGAACGCACCA : 570  
Seqid3 : ..... : 570

580 \* 600  
Seqid1 : GCCACGGGTAGCTCAGGGGTGATGCAATT : 600  
Seqid3 : ..... : 600

\* 620 \*  
Seqid1 : CGCTATCCTGTTGGTGCACCAATCCAGTG : 630  
Seqid3 : ..... : 630

640 \* 660  
Seqid1 : GTTCGACGCTTGTTACGGCGACAGTGGCC : 660  
Seqid3 : ..... : 660

\* 680 \*  
Seqid1 : GGCTCAACTGTTACCAGTAATGGCATGTGG : 690  
Seqid3 : ..... : 690

700 \* 720  
Seqid1 : TTTTCTGGACGAGATGGCGATTAAATTAAC : 720  
Seqid3 : ..... : 720

\* 740 \*  
Seqid1 : GCCAGTAATGCAGGCACAGTCATTCAAGCT : 750  
Seqid3 : ..... : 750

760 \* 780  
Seqid1 : GATCACAAATATGGACGGGGCGAGTATTGTG : 780  
Seqid3 : ..... : 780

\* 800 \*  
Seqid1 : ATTCAAGCATACCAATGGATTGTTCAAGC : 810  
Seqid3 : ..... : 810

820 \* 840  
Seqid1 : TATATCCATATTAAGGACGCTCAAGTTAAA : 840  
Seqid3 : ..... : 840

\* 860 \*  
Seqid1 : ACAGGCGATA CGGTGCGTACCGGT CAGCGT : 870  
Seqid3 : ..... : 870

880 \* 900  
Seqid1 : ATTGCAAGCATGAAAAATCAGCCAAGCGGT : 900  
Seqid3 : ..... : 900

\* 920 \*  
Seqid1 : GCGGCACTATTTGAATTAGAATTCTAGA : 930  
Seqid3 : ..... : 930

940 \* 960  
Seqid1 : AATGGCGTGTATGTTGATCCATTGACAGTA : 960  
Seqid3 : ..... : 960

Seqid1 : CTTAAATAG : 969  
Seqid3 : ..... : 966

**Figure 2 : Alignment of the BASB110 polypeptide sequences.****Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

\* 20 \*

Seqid2 : MVTIAINSQNQKPIKRLGLIFGVITTCIL : 30  
Seqid4 : ..... : 30

40 \* 60

Seqid2 : AGCASKPTYNSTSGSGSHRTSGSGGLAIGS : 60  
Seqid4 : ..... : 60

\* 80 \*

Seqid2 : QVITDSQGVPNRYQVKQGDTVSKIAQRYGL : 90  
Seqid4 : ..... : 90

100 \* 120

Seqid2 : NWREIGHINNLNSSYTIYTGQWLTLWSGDL : 120  
Seqid4 : .....G..... : 120

\* 140 \*

Seqid2 : KVRERSISSLGVNTAHTPSPVAVQSSRPPVQ : 150  
Seqid4 : ..... : 150

160 \* 180

Seqid2 : QHPAVQKPTPPVVVKKPTPTPPVQQPAP : 180  
Seqid4 : ..... : 180

\* 200 \*  
Seqid2 : VAPPVTEAPFATGSSGVMQFRYPVGATNPV : 210  
Seqid4 : ..... : 210

\* 260 \*

Seqid2 : ASNAGTVIQADHNMDGASIVIQHTNGFVSS : 270  
Seqid4 : ..... : 270

280 \* 300  
Seqid2 : YIHIKDAQVKTGDTVRTGQRIASMKNQPSG : 300  
Seqid4 : : 300

\* 320  
Seqid2 : AALFEFRISRNGVYVDPLTVLK : 322  
Seqid4 :

Figure 3-A : Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB110

Figure 3-B: Western-blotting of purified BASB110 (anti-His antibody).

Figure 3-A Figure 3-B

